

Hubungan Genetika Pria Masyarakat Sembiran dan Tri Wangsa di Bali

I Ketut Junitha¹ dan Bambang Suryobroto²

1. *Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Udayana, Bali*

2. *Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Institut Pertanian Bogor, Bogor*

Abstract

Balinese community has evolved since the prehistoric era. The present community is structured into Hinduism caste (Brahmana, Kesatria, Wesia and Sudra), but remnants of their ancient communities, collectively called Bali Aga, have not undergone this structure. The first three castes of modern Balinese that comprises Tri Wangsa gentry were derived from Javanese kingdom of Majapahit (1343 AD). One of Bali Aga communities is Sembiran of Northern Bali. Using chromosomal microsatellite DNA, allelic variability of Sembiran and Tri Wangsa communities was reported. Both of them had the same high frequency of alleles which suggested genetic intermixing or sharing of common ancestor. However, a few alleles were unique for each community. This uniqueness was related to patrilineal system of Balinese community and to high mutation rate of Y chromosomal microsatellite DNA.

Key words: Bali Aga, Sembiran, Tri Wangsa, Y-chromosomal, microsatellite DNA

Pendahuluan

Pada masa sekarang, masyarakat Bali merupakan perkembangan dari masyarakat yang telah menghuni Pulau Bali sejak zaman prasejarah. Sumber utama masyarakat Bali adalah stok Deuteri-Melayu yang merupakan migrasi gelombang kedua dari ras Austronesia purba yang datang dari daratan Asia Tenggara pada awal Masehi. Masyarakat Bali juga mendapatkan percampuran darah dari orang-orang Hindu dari Jawa dan India serta migrasi dari Cina (Covarubias, 1956; Breguet *et al.*, 1982; Lansing *et al.*, 2004; Karafet *et al.*, 2005; Riana, 1995).

Berdasarkan budayanya, Darsana (1996) mengelompokkan masyarakat Bali menjadi dua yaitu Bali Aga dan Bali Dataran. Pada umumnya, desa-desa Bali Aga terletak di pegunungan di Kabupaten Karangasem, Bangli dan Buleleng, sehingga mereka terpisah-pisah satu dengan lainnya. Semua masyarakat di desa Bali Aga atau Bali Mula tidak mengenal dan tidak mengakui adanya pelapisan masyarakat berdasarkan kasta seperti yang ada pada masyarakat Bali Dataran. Bukti-bukti arkeologis menunjukkan bahwa mereka telah ada sebelum kerajaan Bali Kuno dikalahkan oleh kerajaan Majapahit dari Jawa pada tahun 1343 Masehi (Riana, 1995).

Kolonisasi oleh kerajaan Majapahit menghasilkan masyarakat yang tinggal di kota dan desa di dataran rendah di seluruh pulau Bali; untuk membedakannya dari Bali Aga yang hidup di pegunungan, mereka disebut masyarakat Bali Dataran (Darsana, 1996). Masyarakat baru ini bercirikan adanya pelapisan masyarakat ke dalam struktur kasta yang sekarang disebut dengan istilah wangsa (yakni wangsa-wangsa Brahmana, Kesatri, Wesia dan Sudra). Keturunan orang-orang Majapahit masuk ke dalam tiga kelompok pertama, sehingga mereka dikenal sebagai golongan Tri Wangsa (Wiana, 1993). Kelompok keempat yakni sudra (Jaba) merupakan masyarakat awal dari kerajaan Bali Kuno yang kemudian terintegrasi ke masyarakat Hindu dari Majapahit dan orang-orang Bali keturunan dari orang-orang Majapahit yang kehilangan status kebangsawannya karena berbagai alasan.

Desa Sembiran adalah salah satu desa Bali Aga yang terletak di Bali Utara di Kecamatan Tejakula, Kabupaten Buleleng, 31 km ke arah timur kota Singaraja pada ketinggian 0-350 m dari permukaan laut. Desa ini merupakan desa kuno yang telah dihuni sejak zaman prasejarah (Ardika, 1996). Berdasarkan sejarah pembentukan masyarakat Bali Aga Sembiran disebutkan bahwa pada abad ke VII desa ini kedatangan orang-orang

yang berasal dari kerajaan Medang Kemulan Jawa Tengah dan membuka lahan pertanian (Ginastra, 1977). Berbeda dari masyarakat Bali Aga lainnya yang relatif homogen, Desa Sembiran dihuni juga oleh orang-orang yang bukan Bali Aga yang berasal dari Bali Dataran.

Penelitian bertujuan untuk mengetahui variabilitas genetika masyarakat Sembiran dengan cara mendapatkan alela-alela yang tersebar padanya dan membandingkan dengan yang ada pada masyarakat Tri Wangsa Bali Dataran. Dengan membandingkan alela-alela yang tersebar pada dua masyarakat, hubungan genetika ke dua masyarakat yang sama-sama memiliki leluhur dari Jawa dapat diketahui. Hasil penelitian akan memperkuat data sejarah pembentukan masyarakat Bali. Alela-alela ini merupakan varian genetika yang bermutasi dari varian genetika nenek moyang.

Materi dan Metode

Dalam pengambilan sampel, individu-individu masyarakat Sembiran ditentukan afiliasinya berdasarkan wawancara di desa Sembiran. Untuk masyarakat Bali Dataran, penelitian memilih menggunakan golongan Tri Wangsa untuk mendapatkan pemisahan yang baik dari masyarakat Bali Aga. Selain berdasarkan wawancara, golongan Tri Wangsa ini mudah dikenali dari namanya, seperti Ida Bagus, Ida Ayu, Cokorda, Anak Agung, Dewa, Gusti, Desak dll (Wiana, 1993; Riana, 1997). Individu-individu Triwangsa diperoleh dari mahasiswa dan staf di Universitas Udayana, Denpasar, yang datang dari seluruh kabupaten di Bali. Penelitian menggunakan 142 sampel epitel mulut atau darah sebagai sumber DNA bagi setiap individu. Koleksi dari masyarakat Sembiran memperoleh sampel sebanyak 82 dan dari masyarakat Tri Wangsa 60; pengambilan sampel dilakukan berdasarkan persetujuan individu yang bersangkutan setelah memperoleh penjelasan. Pada situasi eksperimental (Tabel 1), tidak semua proses amplifikasi berhasil. Untuk menghitung statistik keragaman hanya satu dari sejumlah individu bersaudara yang digunakan dalam analisis untuk menghindari duplikasi yang tidak perlu, walaupun semua juga ikut diamplifikasi untuk verifikasi (Tabel 1.).

Tabel 1. Jumlah sampel dari setiap masyarakat
Table 1. Number of samples of each community

	Sembiran			Tri Wangsa		
	DYS19	DYS390	DYS393	DYS19	DYS390	DYS393
Sampel statistik	56	46	56	48	43	47
Sampel teramplifikasi	62	47	58	55	46	51
Sampel keseluruhan	82	82	82	60	60	60

Untuk melihat variabilitas genetika, penelitian menggunakan alel-alel DNA mikrosatelit yang terletak pada kromosom Y. Pendekatan ini mempunyai tiga keuntungan. Pertama, kromosom Y hanya dimiliki oleh lelaki sehingga mikrosatelit DNA yang ada padanya menjadi penanda tepat bagi populasi yang bersangkutan karena ia tidak berpindah tempat. Kedua, dalam proses meiosis di saat pembentukan sel kelamin, kromosom Y tidak mengalami rekombinasi sehingga variabilitas DNA-nya dapat diterangkan oleh proses mutasi. Ketiga, mikrosatelit DNA memiliki laju mutasi yang cepat, sehingga baik digunakan untuk melihat variasi genetika antarpopulasi yang belum lama berpisah (Bowcock *et al.*, 1994; Slatkin, 1995; Jin *et al.*, 1997).

Mikrosatelit DNA adalah sebuah ruas kromosom yang monomer nukleotidanya tersusun secara tandem berulang-ulang. Motif yang berulang-ulang ini dibentuk oleh 1-5 monomer; sebuah mikrosatelit dapat terjadi dari puluhan sampai beratus perulangan oligomer ini. Penelitian menggunakan mikrosatelit DNA yang memiliki motif dasar perulangan empat nukleotida. Mutasi yang terjadi pada mikrosatelit DNA kebanyakan adalah *stepwise mutation* yang berupa penambahan atau pengurangan sebuah motif

(Shriver *et al.*, 1993; Weber dan Wong, 1993), sehingga penambahan atau pengurangan tetra-nukleotida menjadi dasar bagi variasi alelik sebuah mikrosatelit DNA.

Ekstraksi DNA dari epitel mulut atau darah dilakukan berdasarkan metode fenol-kloroform dan presipitasi alkohol (Sambrock dan Russel, 2001). Mikrosatelit DNA pada lokus-lokus DYS19, DYS390, DYS393 yang ada pada kromosom Y (Hammer *et al.*, 1997; Parra *et al.*, 1999; Bhattacharya *et al.*, 1999; Ramana *et al.*, 2001; Mitchell *et al.*, 2006) diamplifikasi secara spesifik dengan menggunakan mesin *polymerase chain reaction* (PCR; Sambrock dan Russel, 2001) merk TaKaRa. Amplifikasi dapat berjalan spesifik karena proses pemancingan oleh sepasang oligo nukleotida primer yang masing-masingnya berkomplemen dengan urutan nukleotida di tepi depan dan tepi belakang ruas mikrosatelit. Proses amplifikasi dilakukan dalam larutan yang bervolume 12,5 µl. Larutan ini merupakan campuran dari komponen PCR yang terdiri atas 2 µl sampel DNA, 1 µl pasangan primer, 0,41 unit enzim polimerase Taq Gold, 1 µl monomer nukleotida dNTP, 1,25 µl katalis MgCl, dan 1,25 µl larutan penyangga 10x, ditambah dengan air steril sampai volume mencapai 12,5 µl. Reaksi berantai PCR dilakukan sebanyak 30 siklus; secara teoritis, reaksi berantai ini akan menggandakan sebuah molekul mikrosatelit DNA menjadi 2^{30} (\approx 1000 juta) kali. Mikrosatelit DNA hasil amplifikasi PCR dianalisis secara elektroforesis pada gel poliakrilamid (PAGE) 6% dengan tegangan 150 volt. Setelah berjalan 90 menit, mikrosatelit DNA diwarnai dengan perak nitrat untuk melihatnya (Tegelström, 1986). Dalam proses elektroforesis ini, jutaan molekul mikrosatelit DNA bermigrasi bersama-sama pada matrik gel, sehingga keseluruhan mereka akan tampak sebagai sebuah pita. Jarak yang ditempuh sebuah pita DNA selama elektroforesis berbanding terbalik dengan logaritma berat molekulnya, lebih panjang molekulnya, lebih lambat jalannya. Apabila molekul mikrosatelit DNA ini dielektroforesis berdampingan dengan molekul-molekul DNA standar yang telah diketahui ukurannya, panjang mikrosatelit DNA dapat ditetapkan dengan membandingkan jarak migrasi pitanya terhadap jarak migrasi pita-pita molekul DNA standar itu. Untuk keseluruhan sampel, analisis terhadap lokus DYS19 mendapatkan empat kelas molekul yang ukurannya berkisar antara 196-208 pasang basa (pb); lokus DYS390 empat kelas antar 199-211 pb; dan lokus DYS393 empat kelas antara 125-137 pb. Perbedaan ukuran molekul di setiap lokus ini merupakan perbedaan alelik yang dicari. Untuk kemudahan, setiap alela diberi nama sesuai dengan panjang pasangan basanya (Tabel 2). Dalam setiap masyarakat, statistik keragaman genetik D dapat dihitung dengan rumus $D = (1 - \sum p^2)n / n - 1$ dengan keterangan p = frekuensi masing-masing alela dan n = jumlah sampel (Parra *et al.*, 1999).

Hasil dan Pembahasan

Variasi genetika masyarakat Sembiran dan Tri Wangsa mempunyai kesamaan dalam hal alel yang mempunyai frekuensi tertinggi (Tabel 2). Alel-alel itu adalah alel 200 untuk lokus DYS19, alel 207 untuk lokus DYS390 dan alel 129 untuk lokus DYS393.

Disamping kesamaan di atas, masing-masing masyarakat mempunyai keunikan tersendiri. Pada lokus DYS19, masyarakat Sembiran memiliki alel 208 yang tidak ada pada masyarakat Tri Wangsa; keunikan yang sama juga ditunjukkan oleh alela 203 dari lokus DYS390. Dibandingkan dengan masyarakat Sembiran, masyarakat Tri Wangsa juga unik untuk alela 199 dari lokus DYS390 dan alela-alela 125 dan 137 lokus DYS393.

Ke tiga lokus mikrosatelit DNA bersama-sama pada kromosom Y, sehingga secara kesatuan menentukan tipe genetik setiap individu. Penelitian ini mendapatkan 15 haplotipe (yakni tipe genetik berdasarkan kromosom yang tidak berekombinasi pada kromosom Y) di dalam masyarakat Sembiran dan Tri Wangsa. Haplotipe tersebut disajikan pada Tabel 3 dengan notasi yang merupakan kombinasi alel-alel yang ada pada DYS19, DYS390 dan DYS393, berturut-turut.

Tabel 2. Frekuensi alela per lokus di setiap masyarakat
 Table 2. Allel frequency in a locus of each community

Lokus/Alela	Sembiran		Tri Wangsa	
	Jumlah individu	Frekuensi	Jumlah individu	Frekuensi
DYS19				
208	10	0,178	0	0
204	11	0,196	11	0,229
200	34	0,607	32	0,667
196	1	0,018	5	0,014
DYS390				
211	11	0,239	9	0,209
207	31	0,674	29	0,674
203	4	0,087	0	0
199	0	0	5	0,116
DYS393				
137	0	0	6	0,128
133	20	0,351	6	0,128
129	36	0,643	34	0,723
125	0	0	1	0,021

Kesamaan dan keunikan setiap masyarakat seperti yang terlihat pada satu lokus, terlihat juga pada penyebaran haplotipe. Masyarakat Sembiran memiliki 10 haplotipe, sedangkan masyarakat Tri Wangsa 11. Sebanyak enam haplotipe bersama-sama terdapat pada dua populasi yaitu haplotipe E(200,207,129), F(200,207,133), G(200,211,133), H(200,211,129), M(204,207,133) dan N(204,207,129), tetapi empat haplotipe yang terdapat pada masyarakat Sembiran, yaitu C(200,203,129), J(204,203,129), K(204,203,133) dan O(208,207,129), tidak ditemukan pada masyarakat Tri Wangsa. Demikian sebaliknya, lima haplotipe yang tersebar pada masyarakat Tri Wangsa, yaitu A(196,199,129), B(200,199,129), D(200,207,125), I(204,211,129) dan L(2004,207,137), tidak diperoleh pada masyarakat Sembiran.

Tabel 3. Data sebaran haplotipe pada masyarakat Sembiran dan Tri Wangsa
 Table 3. Haplotype distributrion data in Sembiran and Tri Wangsa Communities

Haplotype	Kombinasi alela	Sembiran		Tri Wangsa	
		Jumlah	Frekuensi	Jumlah	Frekuensi
A	196,199,129			2	0,050
B	200,199,129			3	0,075
C	200,203,129	6	0,117		
D	200,207,125			1	0,025
E	200,207,129	2	0,039	17	0,425
F	200,207,133	10	0,196	2	0,050
G	200,211,133	5	0,098	2	0,050
H	200,211,129	7	0,137	6	0,150
I	204,211,129			1	0,025
J	204,203,129	1	0,019		
K	204,203,133	2	0,039		
L	204,207,137			4	0,100
M	204,207,133	3	0,059	1	0,025
N	204,207,129	5	0,098	1	0,025
O	208,207,129	10	0,196		

Dalam ukuran statistik keragaman genetik kedua masyarkat (Tabel 4) tidak jauh berbeda. Keragaman genetik masyarakat Sembiran ($0,5116 \pm 0,104$) sedikit lebih tinggi

dibandingkan dengan masyarakat Tri Wangsa ($0,4890 \pm 0,0116$), tetapi selisih ini dapat merupakan *sampling error* karena jumlah haplotipe masyarakat Sembiran, baik secara total maupun yang unik, lebih sedikit dibandingkan dengan jumlah haplotipe masyarakat Tri Wangsa. Untuk melihat apakah variabilitas genetik dengan keunikan tersendiri dapat memisahkan ke dua masyarakat, maka jarak genetik kedua masyarakat dapat dihitung berdasarkan frekuensi alel masing-masing masyarakat. Takezaki dan Nei (1996) memberi rumus jarak standar (Ds) sebagai $Ds = \ln(Jw / \sqrt{JxJy})$ di mana $Jx = \sum_j \sum_i x_{ij}^2 / r$ dan $Jy = \sum_j \sum_i y_{ij}^2 / r$, sedangkan x_{ij} adalah frekuensi alel di masyarakat Sembiran dan y_{ij} adalah frekuensi alel di masyarakat Tri Wangsa. m =jumlah alela masing-masing lokus dan r =banyak lokus. Penghitungan menunjukkan bahwa jarak genetik antara ke dua masyarakat in sangat kecil (0,066), sehingga walaupun masing-masing mempunyai keunikan, tetapi tidak tersegregasi jauh. Dua dari empat alela unik di kedua masyarakat dapat diterangkan sebagai berikut.

Tabel 4. Keragaman genetik masyarakat Sembiran dan Tri Wangsa
Table 4. Genetic diversity of Sembiran and Tri Wangsa communities

Lokus	Sembiran	Tri Wangsa
DYS 19	$0,5713 \pm 0,101$	$0,5131 \pm 0,113$
DYS 390	$0,4918 \pm 0,113$	$0,5002 \pm 0,118$
DYS 393	$0,4718 \pm 0,097$	$0,4537 \pm 0,116$
Rataan Keragaman	$0,5116 \pm 0,104$	$0,4890 \pm 0,116$

Alela 208 pada lokus DYS19 hanya ditemukan pada masyarakat desa Sembiran dan tidak ditemukan di tempat lain (Ruiz-Linares *et al.*, 1996; Hammer *et al.*, 1997). Apabila melihat haplotipe O (208,207,129) dan N (204,207,129), besar kemungkinan bahwa alela ini merupakan hasil mutasi lokal dari alela 204 lokus DYS19 berdasarkan dua fakta. Pertama anggota dadia (kelompok) Ketut Sudana yang diperoleh penelitian ini memiliki satu macam haplotipe O (208,207,129) saja dan haplotipe ini berbeda satu langkah mutasi dari haplotipe N (204,207,129) yang dimiliki oleh dadia Kumpi Mula. Kedua, selain dimiliki oleh dadia Kumpi Mula, alela 204 tersebar luas baik di masyarakat Sembiran maupun masyarakat Tri Wangsa. Oleh karena itu, dari tidak ada menjadi ada, alel 208 merupakan alela baru yang timbul karena proses *stepwise mutation* dari alela 204. Kebenaran dugaan penurunan dadia dari satu dadia ke dadia lain ini perlu didukung oleh data antropologi budaya untuk dapat menjelaskan sejarah ke dua dadia.

Mutan lokal juga ditemukan pada masyarakat Tri Wangsa, yakni alela 125 dari lokus DYS393 yang terdapat pada haplotipe D(200,207,125). Alela 125 ini diduga berasal dari alela 129 lokus DYS393 dari haplotipe E(200,207,129) yang tersebar merata di masyarakat Sembiran maupun Tri Wangsa. Individu berhaplotipe D yang membawa alela 125 adalah satu-satunya individu dari 20 individu golongan wangsa Brahmana; 19 anggota wangsa Brahmana lainnya berhaplotipe E. Berdasarkan sejarah individu wangsa Brahmana Siwa yang ada di Bali sekarang merupakan keturunan dari seorang Brahmana bernama Danghyang Nirartha yang datang ke Bali pada abad ke 16. Karena wangsa Brahmana ditentukan berdasarkan keturunan dalam sistem patrilineal yang ketat, alela 125 ini hanya dapat muncul apabila bermutasi dari alela 129 yang dibawa Danghyang Nirartha.

Penelitian ini menunjukkan bahwa secara genetik masyarakat Sembiran tidak jauh berbeda dari masyarakat Tri Wangsa. Hal ini mendukung pendapat bahwa secara umum keduanya memiliki kesamaan leluhur. Pada setiap lokus, ke dua masyarakat memiliki alela berfrekuensi tinggi yang sama, yaitu alela 200 untuk lokus DYS19, alela 207 untuk lokus DYS390 dan alela 129 untuk lokus DYS393. Ketiganya menjadi komponen pokok bagi lima dari 15 macam haplotipe yang menghubungkan ke dua populasi. Fakta ini menunjukkan sebagian masyarakat Tri Wangsa memiliki hubungan genetik dan memiliki kedekatan leluhur dengan masyarakat Sembiran.

Pada saat ini, desa Sembiran dihuni tidak saja oleh orang Sembiran asli, tetapi juga oleh orang dari masyarakat Bali Dataran. Pertukaran genetik antara masyarakat Sembiran dan Tri Wangsa di desa ini telah berlangsung sejak lama. Riana (1995) menyebutkan bahwa setelah Majapahit berkuasa di Bali orang-orang dimasukkan ke desa Sembiran (dan juga desa-desa Bali Aga lainnya) untuk kepentingan politis. Hal ini karena masyarakat Sembiran seperti halnya masyarakat Bali Aga lainnya tidak mengenal dan tidak mengakui adanya kasta, sehingga orang-orang kerajaan Majapahit tidak menggunakan gelar kebangsawananannya untuk dapat diterima oleh masyarakat setempat. Mereka kemudian disebut sebagai orang *kesamen* yang artinya disamakan dengan penduduk setempat. Lebih jauh, alela 207 lokus DYS390 yang berfrekuensi tinggi di masyarakat Sembiran dan masyarakat Tri Wangsa ditemukan juga pada orang-orang Jawa (Parra *et al.*, 1999) dan pada seluruh kasta di India Selatan (Bhattacharya *et al.*, 1999; Ramana *et al.*, 2001). Hal ini menunjukkan adanya aliran gen dari India ke Bali baik langsung maupun lewat Jawa. Hal yang sama dinyatakan oleh Karafet *et al.* (2005) bahwa 12 % laki-laki Bali membawa gen India dan oleh Ginastra (1977) bahwa sejarah terbentuknya masyarakat Sembiran sebagai berasal dari Jawa Tengah yang bermigrasi pada abad ke VII. Bukti arkeologis dengan ditemukannya gerabah India yang berasal dari awal abad Masehi (Ardika, 1996) juga menunjukkan adanya mobilitas orang-orang India ke Bali. Hal ini didukung oleh hasil analisis DNA mitokondria dari gigi pada rangka manusia prasejarah yang ditemukan di Sembiran yang menunjukkan bahwa pemilik gigi tersebut berasal dari India (Lansing *et al.*, 2004).

Kesamaan dan keunikan genetik masyarakat Bali yang ditemukan menunjukkan kekuatan analitik mikrosatelit DNA yang ada di kromosom Y. Dalam masyarakat patrilineal, mikrosatelit DNA kromosom Y menjadi penanda bagi sebuah komunitas yang tinggal berdiam, dan menjadi penanda bagi lelaki *founder* yang bermigrasi ke komunitas lain. Sifat penciri ini berkaitan dengan laju mutasinya yang sangat cepat. Pada kenyataannya, mutasi mikrosatelit DNA pada benih laki-laki (berkisar antara $0,7 \times 10^{-3}$ per lokus per generasi) 5-6 kali lebih cepat dibandingkan pada benih wanita (Brinkmann *et al.*, 1998). Berdasarkan peristiwa mutasi yang sering terjadi, penelitian berhasil mendeteksi perubahan alelik pada lokus DYS19 (208 dari 204) dan lokus DYS393 (125 dari 129). Sejalan dengan waktu, varian-varian baru ini tersubstitusi dan menjadi penanda bagi masyarakatnya masing-masing.

Hasil penelitian ini menunjukkan relevansi yang tinggi bagi analisis mikrosatelit DNA pada kromosom Y dalam menyumbangkan solusi bagi *issue* sosial dan forensik masa kini. Informasi tentang varian-varian genetik dapat diaplikasikan untuk membantu masyarakat menelusuri asal usul kelompok geneologis yang secara teknis berarti mencari founder. Secara forensik, informasi ini penting bagi penyelidikan paternitas dan identitas korban musibah. Untuk memperluas database dan keperluan ilmiah, penelitian dapat dilanjutkan untuk mencakup masyarakat Bali yang lebih luas.

Kesimpulan

Berdasarkan hasil yang diperoleh dapat disimpulkan bahwa masyarakat pria Sembiran dan Tri Wangsa memiliki kedekatan secara genetik, dan masyarakat Sembiran memiliki alel unik 208 lokus DYS19 dan alel 203 lokus DYS390, masyarakat Tri Wangsa memiliki alel unik 199 lokus DYS390 dan alel 125 dan 137 lokus DYS393.

Ucapan Terimakasih

Terimakasih disampaikan kepada masyarakat Sembiran, masyarakat Tri Wangsa yang telah bersedia menjadi probandus dan DIKTI DEPDIKNAS yang telah membiayai penelitian ini melalui dana Hibah Bersaing.

Daftar Pustaka

Ardika, I.W., 1996. Bali dalam sentuhan budaya global awal abad masehi. In: Ardika, I.W. dan Sutaba, I.M. (Eds). Dinamika kebudayaan Bali. Upadana Sastra, Denpasar.

- Bhattacharyya, N.P., Basu, P., Das, M., Pramanik, S., Banerjee R., Roy, B., Roychoudhury, S., and Majumder, P.P., 1999. Negligible male gene flow across ethnic boundaries in India, revealed by analysis of Y-chromosomal DNA polymorphisms. *Genome Research* 9,711-719.
- Bowcock, A.M., Ruai-Linares, A., Tomfohrde, J., Minch, E., Kidd, J.R., and Cavalli-Sforza, 1994. High resolution of human evolutionary trees with polymorphic microsatellites. *Nature*. 368, 455-457.
- Breguet, G., Ney, R., Kirk, R.L., and Blake, N.M., 1982. Genetic survey of an Isolated Community in Bali Indonesia. II. Haemoglobine Type and Redd Cell Isozymes. *Hum. Hered.*, 32, 308-317.
- Brinkmann, B., Klintschar, M., Nauhuber, F., Huhne, J., and Rolf, B., 1998. Mutation rate in human microsatellites: Influence of the structure and length of the tandem repeat. *Am. J. Genet.* 62, 1408-1415.
- Covarubias, M., 1956. *Island of Bali*. Alfred a Knopf, New York.
- Darsana, I G.P., 1996. *Akar kebudayaan Bali*, In: Ardika, I.W. dan Sutaba, I.M. (Eds). *Dinamika kebudayaan Bali*. Upadana Sastra, Denpasar.
- Ginastra, I W., 1977. *Monografi Desa Sembiran, Kecamatan Tejakula, Kabupaten Buleleng*.
- Hammer, M.F., Spurdle, A.B., Karafet, T., Bonner, M.R., Wood, E.T., Novelletto, A., Malaspina P., Mitchell R., Horrai S., Jenkins T., and Zegura S.L., 1997. The Geographic distribution of human Y-chromosome variation. *Genetics* 145, 787-805.
- Jin, L., Underhill, P.A., Bouncristiani, M., and Robertson, J.M., 1997. Defining microsatellite alleles by genotyping global indigenous human population and non human primates . *J. Forensic Sci.* 42(3). 496-499.
- Karafet, T.M., Lansing, J.S., Red, A.J., Watkin, J.C., Surata, S.P.K., Arthawiguna, W.A., Meyer, L., Bamshad, M., Jorde, L.B., and Hammer, M.F., 2005. Balinese Y-chromosome perspective on the peopling of Indonesia: Genetic contribution from pre-neolithic hunther-gatherer, Austronesia farmer, and Indian trader. *Human Biology* 77(1), 93-113.
- Lansing, S., Redd, A.J., Karafet, T.M., Ardika, I.W., Surata, S.P.K., Schoenfelder, J.S., Campbell, M., Merriwether, A.M. Hammer, MF., 2004. An Indian trader in ancient Bali. *Antiquity* 78(300), 287-293.
- Mitchel, R.J., Reddy, B.M, Campo, D., Infantino, T., Kaps, M., and Crawford. M. H., 2006. Genetic diversity within a caste population of India as measured by Y-chromosome haplogroups and haplotypes: Subcates of Golla of Andhra Pradesh. *Am.J. Phys. Anthropol.* 1-9.
- Parra, E., Shrivvers, M.D., Soemantri, A., McGarvey, S.T., Hundrieser, J., Saha, N., and Deka, R., 1999. Analysis of five microsatellites loci in Asian and Pasific populations. *Am.J.Phy.Anthrop.* 110, 1-16.
- Ramana, G.V., Su B., Jin, L., Singh, L., Wang N., Underhill, P. and Chakraborty, R., 2001. Y-chromosom SNP haplotypes suggest evidence of gene flow among caste, tribe, and the migrant Siddi population of Andhra Pradesh, South India. *European J. Hum Genet.* 9, 695-700.
- Riana, I K., 1995. *Masyarakat Gebog Domas di Bali: Studi tuturan dan semiotik sosial*. Disertasi S3. Pascasarjana Universitas Airlangga, Surabaya.

- Ruiz-Linnares, A., Nayar, K., Goldstein, D.B., Hebert, J.M., Seilstad, M.T., Underhill, P.A., Linn, A.A., Felmen, M.W., and Cavali-Sforza, L.L., 1996. Geographic clustering of human Y-chromosome haplotype. *Ann. Hum Genet.* 60, 401-408.
- Sambrook, J. and Russel, D.W., 2001. *Molecular cloning a laboratory manual*. 3rd Ed. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Slatkin, M., 1995. A measure of population subdivision base on microsatellite alleles frequencies. *Genetics* 139, 457-462.
- Shriver, M.D, Jin L., Chakraborty, R., and Boerwingkle., 1993. VNTR Alleles Frequency distribution under the stepwise mutation model: A computer simulation approach. *Genetics* 134, 983-933.
- Takezaki, N. and Nei, M., 1996. Genetic distance and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genetics* 144, 389-399.
- Tegelstöm, H., 1986. Mitochondrial DNA in natural population: An improved routine for screening of genetic variation base on sensitive silver staining. *Electrophoresis* 7, 226-229.
- Weber, J., and Wong, C., 1993. Mutation of human short tandem repeats. *Hum. Mol. Genet.* 2(8), 1123-1128.
- Wiana, K., 1993. *Kasta dalam hindu kesalahpahaman berabad-abad*. Yayasan Dharma Narada, Denpasar.